



Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2014

Hjulsager, Charlotte Kristiane; Krog, Jesper Schak; Madsen, Jesper J.; Thorup, Kasper; Larsen, Lars Erik

Publication date:
2015

Document Version
Publisher's PDF, also known as Version of record

[Link back to DTU Orbit](#)

Citation (APA):
Hjulsager, C. K., Krog, J. S., Madsen, J. J., Thorup, K., & Larsen, L. E. (2015). *Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2014*. DTU Veterinærinstituttet.

General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2014

16. marts 2014

Rapport, endelig version pr. 10. maj 2015.

Af

Charlotte K Hjulsager, DTU Veterinærinstituttet

Jesper S Krog, DTU Veterinærinstituttet

Jesper J Madsen, Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet

Kasper Thorup, Statens naturhistoriske Museum, Københavns Universitet

Lars E Larsen, DTU Veterinærinstituttet

Copyright: Hel eller delvis gengivelse af denne publikation er tilladt med kildeangivelse.

Forsidefotos: Prøveudtagelse til den aktive overvågning for AI, Jesper Brinkmann (tv) og Jesper J. Madsen, SNM (th).
Prøveudtagelse til den passive overvågning for AI, DTU-VET (nederst).

Udgivet af: Veterinærinstituttet, Danmarks Tekniske Universitet, Bülowsvej 27, 1870 Frederiksberg C.

Abstract:

Overvågningen af aviær influenza (AI) virus i vilde fugle i Danmark i 2014 blev udført i samarbejde mellem Veterinærinstituttet, Danmarks Tekniske Universitet (DTU-VET), Fødevarestyrelsen (FVST) og Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet (SNM) i henhold til "Projektplan vedr. overvågningen af aviær influenza i vilde fugle i Danmark i 2014" (bilag 4).

Overvågning af AI på EU niveau går tilbage til 2002, og Danmark er underlagt EU kommissionens bestemmelser for udformning af overvågningen, der dog har skiftet gennem årene i takt med indhøstede erfaringer.

I 2014 blev der udført passiv overvågning af døde vilde fugle, der blev fundet i naturen. Der blev testet 10 fugle, og ingen af disse var positive for AI virus. Fem blev indsendt af Veterinærenhederne (FVST), de øvrige var indsendt faldvildt fra private indsamlere.

I den aktive overvågning af levende vilde fugle blev der i alt testet 1012 fugle som 286 pools eller enkeltdyrprøver af kloaksvabere fra så vidt muligt op til 5 fugle af samme art, fundet på samme sted og på samme tid. I modsætning til 2011 og 2012, men ligesom i 2013, blev prøverne udtaget fra enkeltdyr og sendt til laboratoriet, hvor de blev poolet inden test. Prøverne blev indsamlet i Jylland, på Fyn, Lolland, Sjælland og i Hovedstadsregionen. Frekvensen af positive prøver var højst i Sydvestjylland og meget lav i

Hovedstadsområdet. FVST varetog udtagelse af prøver fra nedlagte ænder og gæs, der var indleveret på vildthåndteringsvirksomhederne Kivan Food (199 fugle), Alpevej Vildtbehandling (150 fugle) og Klosterheden Vildt (150 fugle). SNM udtog prøver fra 502 vildtlevende fugle. Derudover indgik 10 kloaksvaberprøver fra skarver skudt på Anholt.

Prøverne blev testet for AI virus på DTU-VET. I alt 50 (17 %) af prøverne blev fundet positive for AI virus ved PCR. Af de positive prøver var 5 (2 %) LPAI H5 og 3 (1 %) LPAI H7. Andelen og antallet af positive prøver i 2014 var på niveau med 2013, men andelen af H5 positive prøver var markant lavere. Til gengæld blev der fundet flere H7 positive prøver end tidligere. AI virus kunne dyrkes fra 13 (5 %) af de 286 prøver, svarende til 26 % af de PCR positive prøver, og på niveau med de tidligere år.

De oftest identificerede danske AI virusisolat-subtyper i perioden 2003-2011 var H3N8, H4N6 og H6N2 fundet i andefugle. Ved subtypning af AI virusisolaterne fra 2014 blev der fundet virus med følgende subtyper: H3N1 (n=4), H3N8 (n=4), H7N3 (n=1), H7N7 (n=1), H6N2(n=1) og H16N3(n=2). Alle isolaterne var fra svømmeænder, bortset fra H16N3 isolaterne som var fra en måge og en blishøne. H3N1 og H7N3 subtypekombinationerne er ikke før fundet i Danmark, men de enkelte H og N subtyper er fundet før.

Prøverne blev ikke screenet for tilstedeværelsen af paramyxovirus (PMV), men ved dyrkning i æg for at isolere AI virus fra AI PCR positive prøver, blev der isoleret PMV isolater fra 10 prøver. Alle PMV isolaterne var fra andefugle (gråand og krikand). To var avirulente PMV1 isolater, 3 var PMV4 og 4 var PMV6, mens et enkelt PMV isolat ikke kunne types nærmere end til at det ikke var PMV1. Resultatet antyder at andefuglene ofte har paramyxovirus, og ænder betragtes da også som naturlig vært for de fundne PMV typer. Samme gjorde sig gældende ved overvågningen i 2012 og 2013.

Mange af prøverne viste sig at indeholde en blanding af flere virus (flere AI virus eller AI og PMV virus).

Som et nyt tiltag blev der i 2014 udført subtypning af AI virus på primærmaterialet i udvalgte prøver ved fuldlængde sekventering af HA og NA generne. Tidligere er der kun screenet for H5/H7 på primærmaterialet og subtypet på virusisolater, men da det kun er ca. 10 % af prøverne der kan isoleres virus fra i æg (virusisolater) vil der være mange AI virus positive prøver, hvor subtypen ikke kendes. To og tyve prøver blevet analyseret ved sekvensanalyse på primærmaterialet samt alle 13 AI virusisolater. Følgende subtyper blev påvist: H2N3, H3N1, H3N3, H3N8, H4N2, H5, H5N2, H6N2, H9N2, H7N3, H7N7, H8N2, H8N4, H9N2, H11, H11N9, H12N5, H16N3. Alle havde som forventet størst lighed med euroasiatiske virus.

Fylogenetisk analyse af H5 generne fra 2 prøver viste at disse var nært beslægtede med H5 gener fra virus i prøver fra vilde fugle, der er indsamlet i Danmark i 2012. De er ikke beslægtet med H5N8 HPAI fundet i Europa i 2014.

Fylogenetisk analyse af H7 fra de 3 H7 positive prøver viste, at de var beslægtet med H7 gener fra europæiske virus. En prøve, H7N7, havde et HA gen, der var meget nært beslægtet med HA fra det H7N7 virus, der var årsag til udbrud af LPAI i en slagtekyllingebesætning i England i januar 2015, hvorimod NA genet var mere forskelligt. Der er altså ikke tale om det samme virus, men 2 virus der måske har deres HA gen fra en fælles kilde. Analysen viste også, at de danske virus ikke var tæt beslægtet med H7N9 virus fra Kina.

Endnu et nyt tiltag var etablering af et PCR assay, til screening af AI virus positive prøver specifikt for H9 subtypen. Der er en stigende bevågenhed overfor netop denne subtype af virus, da det har opnået enzootisk udbredelse i flere dele af verden, herunder Kina og Mellemøsten. Der blev påvist H9N2 virus i 5 prøver, indsamlet på samme lokalitet. Sekvens- og fylogenetisk analyse viste, at de danske H9N2 virus var beslægtet med virus fundet i vilde fugle i vores nabolande.

Som supplement til overvågningen gennemførtes i 2014 en indsamling af tørsvabere parallelt med almindelige "våde" svabere udtaget i kloakmedie. De opnåede resultater var meget lovende, og PCR resultaterne var enslydende uanset om analyserne blev kørt på tørsvabere eller almindelige våde svabere.

Formålet med den aktive overvågning var at foretage en screening for LPAI virus og at karakterisere de identificerede virus. Som de foregående år, viste resultaterne fra overvågningen i 2014, at fuglearten er den mest betydende faktor for, at en given prøve er positiv. Næsten alle positive prøver var fra gråænder.

Overvågningen var i forhold til tidligere udvidet i 2014 med en molekylær karakterisering af de virus, der blev påvist både i vilde fugle og i fjerkræ, og dette bidrog til en dybere og mere præcis karakterisering af virus, så vi ret præcist ved hvilke virus varianter, vi har påvist. Dermed er opnået en god indikation af hvilke AI virus, der cirkulerer i Danmark, og en viden om at disse virus pt. ikke udgør en øget trussel mod den humane sundhed. Overvågningen viser dog, at der til stadighed cirkulerer LPAI H5 og H7 virus i den vilde fauna, som potentielt kan true dyresundheden, så der er behov for at overvåge forekomsten af AI virus i fjerkræflokke. Karakterisering af virus fra gentagne indsendelser af opdrættet fjervildt understregede nødvendigheden af en løbende test af gråandebesætninger, da virus kan persistere i længere tid i besætningerne, hvilken er en velkendt risikofaktor for udvikling af HPAI fra LPAI med subtyperne H5 og H7.